

《総 説》

遺伝資源としてのウズラの可能性

佐野 晶子

農業生物資源研究所, 茨城県つくば市池の台 2 305-8602

本研究では、遺伝資源としてのウズラの有用性および可能性について考える。ウズラを遺伝資源として保存し、さらに効率的に改良および利用するためには、ウズラ集団の遺伝的変異性について評価する必要がある。家畜化および系統分化に伴う遺伝子組成の動態について明らかにすることを目的として、ウズラ (Japanese Quail, *Coturnix japonica*) における集団内および集団間の遺伝的変異性の評価を行った。本研究では、ウズラを集団維持の目的の差異から、野生ウズラと家禽ウズラに分類した。家禽ウズラは、その原種である野生ウズラよりも高い遺伝的変異性をもっていた。また、多くの家禽ウズラにおいては近交係数が低い値であった。したがって、家禽ウズラでは、改良のために系統融合が行なわれていることが推察された。遺伝的分化の程度については、家禽ウズラ集団間の方が野生ウズラ集団間よりも大きかった。集団の遺伝的類縁関係については、枝分かれ図と散布図の結果から、野生ウズラと家禽ウズラはそれぞれ独立した1つのクラスターを形成していた。以上のことから、ウズラは家禽化の歴史が新しいので、現在の家禽ウズラ集団の遺伝子組成は、全体として共通に変化している可能性が示唆された。

ウズラは、近交退化の影響を受けやすく、品種の確立が困難である。今後、品種を確立することは、産業だけでなく、実験動物としての利用からも緊急の課題である。また、ウズラは近交退化の機構を解明する際の研究材料として適していると考えられる。さらに、ウズラは、希少鳥類の維持および増殖法の開発におけるパイロット・アニマルや環境監視指標動物としても適していると考えられる。

キーワード: ニホンウズラ, 野生ウズラ, 家禽ウズラ, 遺伝的変異性

はじめに

1950年代半ばから1990年頃までは、日本経済は高度成長期および発展期にあり、里山をはじめとする国土の都市開発が進んだ。さらに、工業の発展による公害の発生、化学薬品類を主成分とした新たな農薬の利用、そして無計画な外来動物の導入などにより、在来野生生物は、その生息地やエサの獲得が困難となった。しかも、これらの原因による環境の悪化は急激であったために、具体的な救済措置が施される前に個体数が激減し、正常に子孫を繁殖することが困難となり、多くの動植物が絶滅もしくは絶滅の危機に瀕した。生物が絶滅の危機に瀕しているというニュースは、その種が、たとえば昔話に

登場するように、我々にとって身近な存在であるほど、青天の霹靂のような印象を受ける。

一般に、生物集団が子孫個体を正常に繁殖維持するためには、その母集団の遺伝的変異性を高く保持することが必要である。生物集団の遺伝子組成は、その集団の規模や置かれた環境による影響を受けながら、変化し続けている。これら遺伝子組成の変化を遺伝学的に定量化することは、野生生物をはじめとする遺伝資源の保存や家畜の改良に資する情報の累積の点からも重要である。なお、本研究における遺伝資源とは、広義であり、ヒトにとって利用可能な生物資源全てを意味する。本研究では、遺伝資源保存とその効率的な改良と利用を図る際の参考資料を得るため、ニホンウズラ、標準種と名ウズラ (以下、ウズラと記す場合はニホンウズラを示す; Japanese Quail, *Coturnix japonica*) をパイロットアニマルとして用いることに着目した。

ウズラをパイロットアニマルとして選択した理由については以下のとおりである。この種の研究においては、

2003年5月15日受付, 2003年7月16日受理
連絡者: 佐野晶子
TEL 029-838-8622
FAX 029-838-8610
E-mail: akisano@affrc.go.jp

原種ならびにあらゆる改良過程にある集団試料の入手が不可欠である。ほとんどの家畜については、もはや生きた原種の入手が不可能であるが、ウズラの場合は、原種である野生ウズラがアジア地域に生息しており、日本でも採取可能である。また、ウズラの家畜化の歴史は600年程といわれているように、他の家畜と比べて新しいので、ウズラにはまだ相当量の致死遺伝子が排除されずに残されており、近親交配による悪影響、すなわち近交退化を受けやすい。そのため、品種といえるほど遺伝的に分化した集団は存在していないので、その成立や分化の過程にある種々の試料の入手が可能である。さらに、ウズラはキジ科に分類されている。キジ科には、ニワトリ (Domestic Fowl, *Gallus gallus var. domesticus*), シチメンチョウ (Common Turkey, *Meleagris gallopavo*), ホロホロチョウ (Helmet Guineafowl, *Numida meleagris*), インドクジャク (Common Peafowl, *Pavo cristatus*) などをはじめ、ヒトに利用されている種が多い。したがって、ウズラとこれら近縁種の鳥類との比較により、家禽化および品種改良に関する有益な情報の累積が可能である。

本研究では、遺伝資源としてのウズラの可能性について考える。ウズラを遺伝資源として保存し、さらに効率的に改良および利用するためには、まず、ウズラ集団の遺伝的変異性について評価する必要がある。そこで本研究では、野生ウズラおよび家禽ウズラ集団における遺伝子頻度、集団内の遺伝的変異性、そして集団間の遺伝的分化の程度について調査をおこなった。これらの結果について、原種である野生ウズラと家禽ウズラを比較することにより、ウズラの家畜化と改良に伴う遺伝子組成の動態について明らかにし、遺伝資源としての有用性および可能性について考える。そこで、「I. ウズラの分類とその種類」では、ウズラとその近縁種である鳥類について紹介し、「II. ウズラの家畜化の歴史」について述べる。また、「III. ウズラ集団における遺伝的変異性の解析」では、著者らによる調査結果について報告し、そしてこれらの結果から、「IV. V. 遺伝資源としてのウズラの可能性」について考える。

I. ウズラの分類とその種類

ニホンウズラ、標準和名ウズラ (Japanese Quail, *Coturnix japonica*) は、分類学上キジ目キジ科に属している。キジ科 (48 属 183 種) は、新世界ウズラ類 (10 属 30 種)、旧世界ウズラ類 (3 属 11 種)、ヤマウズラ類 (19 属 94 種)、およびキジ類 (16 属 48 種) の4つのグループに分類されている (黒田, 1986)。ここでは、新世界ウズラ類および旧世界ウズラ類について紹介する。

新世界ウズラ類の中で代表的な種としては、コリンウズラ (Bobwhite, *Colinus virginianus*) が挙げられる。コリンウズラは、留鳥としてアメリカ中部と東部からメキシコ・キューバ・グアテマラに分布し、開けた土地に家族群をつかって生息している。また、猟鳥としてアメリカ西部、西インド諸島およびニュージーランドなどに移入、放鳥されている (吉井, 1988)。さらに、アリゾナ州では、絶滅の危機に瀕した、地理的亜種の飼育個体を再野生化することに成功している。コリンウズラは、日本においてもカンムリウズラ (*California Quail*, *Lophortyx californica*) とともに第二次世界大戦後に猟鳥として放鳥されたが、失敗した (仲田, 1966)。

旧世界ウズラ類は、アフリカ、アジア、そしてオーストラリア大陸の草原に分布している。たとえば、アフリカに生息するヤクシャウズラ (Harlequin Quail, *C. delegorqueti*) と、アジアおよびアフリカ、オーストラリアに生息するヒメウズラ (*Indian Blue Quail*, *Excalfactoria chinensis*) の2種は、雨の降った地域を求めて大群で移動する遊動生活を行なっている (黒田, 1986)。現在、ウズラ (*Coturnix*) 属としては、ニホンウズラの他に、ヤクシャウズラ、ムナグロウズラ (Black breasted Quail, *C. coromandelica*), ヨーロッパウズラ (Common Quail, *C. coturnix*), ニュージーランドウズラ (New Zealand Quail, *C. novaezealandiae*), およびオーストラリアウズラ (Pectoral Quail, *C. pectoralis*) の6種に分類する説が有力である (白井, 1992)。これら6種の内、ニュージーランドウズラは1870年頃にすでに絶滅した (吉井, 1988)。

ヨーロッパウズラは、旧世界ウズラ類の中では、最もよく知られており、古くからヒトに利用されている (木村, 1996)。たとえば、5000年程前の古代エジプトの壁画には、野生のヨーロッパウズラを網で捕獲している様子が描かれている。旧約聖書では、ヨーロッパウズラの渡りについて書かれている。すなわち、モーゼと共にイスラエル人がエジプトを出国する際に、2日間で900万羽のヨーロッパウズラを捕獲し、餓死から逃れたとされている。また、古代ローマやギリシャでは食用として利用し、さらには闘鶏を行っていた。その様子は、シェークスピアが「アントニーとクレオパトラ」で再現している。ヨーロッパウズラは、アフリカからヨーロッパ、インドから中央アジアへと渡りをする。渡りの季節には、各地で多数のヨーロッパウズラが猟鳥として捕獲されている。たとえばインドでは、渡りの季節にひもで繫いだおとりを使って捕獲している (正田, 1987)。ヨーロッパウズラの特徴としては、ヨーロッパにおける分布範囲の北部で繁殖する数が、年により大幅に変わることが

挙げられる。たとえば、1989年には、通常100-300組しかいない分布の北限近辺で約2,500組が繁殖していた。このような数の増加は、十数年に1度の頻度であるといわれている（阿部と柚木，2000）。

ニホンウズラ、標準和名ウズラ（以下、ウズラと記す場合はニホンウズラを示す）は、以前はヨーロッパウズラの亜種とされていた。ウズラとヨーロッパウズラの形態は酷似している（木村，1996）。しかし、黒田（1914）は、両者の嘴峰、翼、尾および附蹠などの部位について観察した結果、微妙な差があると報告している。すなわち、ヨーロッパウズラの翼の方が約9%長いこと、そしてウズラでは、雄の喉部分の羽が繁殖期に婚姻色に変化することなどである。また、ウズラとヨーロッパウズラとは自然環境では雑種を作らず、人為的に作成した雑種が不妊もしくは妊性がごく低い（Lepori，1984；Pala and Lissia-Frau，1966）。さらに、鳴き声もヨーロッパウズラとウズラは異なる（Grzimek，1972）。以上のことから、現在は別種として分類されている（American Ornithologists' Union，1983）。

ウズラは日本・朝鮮半島・中国東部・モンゴル・シベリア南部およびサハリンを含む東経100°から150°、北緯17°から55°に囲まれた地域に分布している（内田と清棲，1942）。日本における野生ウズラの移動ルートは2通りが知られている（木村，1991）。すなわち、1つは、北海道・東北地方で繁殖して冬期に南下するルートであり、他の1つは朝鮮半島を繁殖地として越冬のため九州地方に渡来するルートである。標識調査の結果、北海道・青森で繁殖したものは、関東・東海・紀伊・四国の太平洋沿岸の温暖地方で越冬するものが多い。また、朝鮮から冬鳥として九州へ渡来したものは、四国・山陽・東海方面にも移動することが知られている（清棲，1979；環境庁，1981）。

ウズラは、1950年代に北米で鴉鳥として多数の家禽ウズラが放鳥されたが、その導入には失敗した。放鳥の唯一の成功例としては、ハワイ諸島で行なわれたものがある。Long（1981）によると、1921年にハワイ諸島のマウイとラナイにウズラが導入され、後にオアフを除く全ての島で帰化した。これらのウズラは、第二次世界大戦前の家禽ウズラの子孫である可能性が高い。現在では、この再野生ウズラは渡りをしないとされている。一方、日本でも放鳥実験は行なわれている。たとえば茨城県猟友会（1981）が家禽ウズラを広い放飼場で飛翔訓練を実施した後に放鳥している。平成12年現在では、たとえば北海道で100羽、茨城県で2,000羽や栃木県で2,100羽のウズラをそれぞれ放鳥している（環境省自然環境局，2000）。しかし、放鳥によって野生ウズラの生息数や捕獲

数が増加したという報告は、まだない。

II. ウズラの家禽化の歴史

ウズラは日本で家禽化された唯一の動物種である。ウズラの家禽化は、“小鳥合わせ”のために野生ウズラを飼育することが契機となっている。平安時代（11世紀頃）には、宮中で殿上人らが左右に別れて、鳴き声や羽色の優劣を競い合う“小鳥合わせ”を行っていた。また、蘇生堂主人による「鶉書」（1649年）には、鎌倉時代に伏見院（在位1287-98年）が、小鳥合わせを開かれた際に、ウズラの声がとりわけ素晴らしいとお褒めになったと著されている。このような小鳥合わせの伝統が続いたことにより、室町時代末から近世初期にウズラの鳴き合わせや闘鶉が盛んに行なわれ、江戸時代には、貴賤を問わずにウズラ、すなわち啼きウズラの飼育が流行した。喜多村信節による「嬉遊笑覧」（1830年）では、特に、慶長から寛永年間（1596-1643）および明和から安永年間（1764-1780）には、“鶉合（うずらあわせ）”が大流行した。“鶉合”は、鳴き声の優劣を判定し、これを相撲番付のように東西に分けて、順位を決定していたようである。さらに、明治・大正初期にも啼きウズラの“啼き合わせ会”が行なわれていた。しかし、小田（1918年）は、大正時代現在では、鳴き声について従来の判定基準の詳細は分からないと述べている。

産業用としての家禽ウズラは、明治から大正にかけて啼きウズラから高い産卵率を示すものを選抜し、卵用および肉用として改良されたものである（小田，1917；大森，1918）。1930年代には、愛知県の豊橋地方を中心に飼育技術が確立し、養鶉業が始まり、1941年には、日本におけるウズラの飼育羽数は約200万羽に達していた。そして、これら日本の家禽ウズラは、台湾、朝鮮、および支那（いずれも当時）へ入植者と共に導入され、それぞれ産業として発達した（Crawford，1990）。しかし、日本の家禽ウズラは、第二次世界大戦中にはほぼ絶滅した（近藤，1983）。

第二次世界大戦後、愛知県豊橋市の鈴木經次氏により、数組の番（つがい）の啼きウズラから家禽化が再開された。現在の家禽ウズラの成立には、これらの啼きウズラや日本の野生ウズラの他に、台湾、朝鮮、および支那（いずれも当時）から輸入されたウズラも関与している（磯貝，1971）。そして、1960年頃から市販配合飼料が使われ、1965年には雛の雌雄鑑別技術が完成するなど飼育技術も確立し、企業的な養鶉が開始されるようになった（農水省，1995）。ウズラの飼育羽数は、1960年に約200万羽に回復し、その後も増加して、農水省の調査によれば、平成13年（2001）現在は、全国で飼育者数96

戸、飼育羽数は約 742 万羽である。この内、約 63% (467 万羽) が愛知県、特に豊橋地方の 44 戸 (45.8%) で飼育されている。尚、家禽ウズラの基礎となった啼きウズラは、絶滅したといわれている。

現在、家禽ウズラは、ブラジル、イタリア、フランス、カナダ、中国、韓国、台湾など世界各国で飼育利用されている。これらは、日本で家禽化されたウズラを導入したものである。

研究用、すなわち実験動物としてのウズラの利用価値は、まずアメリカで認められた (Padgett and Ivey, 1959)。北米では、1950 年代に獺鳥として、多数の家禽ウズラが飼育後に放鳥されたが、殆どが失敗した。しかし、このウズラの飼育経験により、ウズラが実験動物としての有用性を備えていることが認識された (本間, 1966)。

家禽化による初期の変化について、河原 (1976) は、富士山麓で捕獲した野生ウズラを、人為淘汰を加えずに実験室で飼育して、10 形質についての調査を行なった。その結果、繁殖世代が進むにつれて、このウズラ集団の産卵率、性成熟日齢および体型などが、家禽ウズラ集団のそれらに次第に近づいてくると報告している。これらの形質の変化について、田名部 (1993 a; 1993 b) は、家畜化により個体が生き残る条件が整った結果、潜在能力として持っていたものが発現したという可能性を示唆している。また、Kimura (1989) は、この集団 (集団略号: N-IV) が約 15 年間系統維持された後の遺伝的変異性について調査し、この集団の遺伝子組成は、日本の家禽集団のそれらと変わらなかったと報告している。

ウズラの実験動物としての利点は、小型であること、性成熟が早いこと、産卵率が高いこと、野生ウズラの入手が可能であり、それらと家禽ウズラの交配が可能であることなどが挙げられる。ウズラは、疾病、発生、生理、栄養および遺伝学的な研究に有用である (木村, 1993)。

III. ウズラ集団における遺伝的変異性の解析

本研究では、野生ウズラおよび家禽ウズラ集団における遺伝子頻度、集団内の遺伝的変異性、そして集団間の遺伝的分化の程度について調査を行なった (Kimura, 1989; 木村と藤井, 1989; Cheng *et al.*, 1992; 佐野ら, 1993; 1994; 1995 a; 1995 b; 1996)。これらの結果について、原種である野生ウズラと家禽ウズラを比較することにより、ウズラの家畜化と改良に伴う遺伝子組成の動態について明らかにし、遺伝資源としてのウズラの可能性について考える。

III-1. 材料と方法

本研究では、集団を維持する目的の差異により、ウズラを、野生ウズラおよび家禽ウズラに分類した。すなわ

ち、野生ウズラ集団では、人為的淘汰圧が加わっていないことから、ウズラとしての種の保存が集団の維持の目的であると考えた。一方、何らかの形で人為的淘汰圧が加わったと考えられた集団を家禽ウズラとした。さらに、家禽ウズラを用途の差異から、すなわち、採卵、採肉など営利を目的とするコマーシャル・ウズラ集団、そして特定の遺伝子の保存あるいは実験に使用するなど、研究を目的とした研究用ウズラに細分類した。本研究では、野生ウズラについては 3 集団、コマーシャル・ウズラは 49 集団、そして研究用ウズラは 40 集団をそれぞれ調査した。

電気泳動法を用いて合計 34 座位により支配を受ける 25 種類の蛋白質と酵素を分析し、その結果として得られた各座位の遺伝子頻度を用いて、ウズラ集団の遺伝的変異性を評価した。さらに、遺伝的変異性として、集団内の遺伝的変異性および集団間の遺伝的分化の程度について評価した。分析した蛋白質および酵素を Table 1 に示した。尚、電気泳動法の詳細については、木村 (1966) と Ogita (1962) に従った。また、蛋白質や酵素は、Brewer (1970) の方法に従って染色検出した。さらに、使用した標識遺伝子に関しては、木村 (1982) や Cheng and Kimura (1990) の総説で詳しく説明されておりである。ただし、卵を購入して調査したコマーシャル・ウズラ 21 集団の電気泳動法や標識遺伝子については、佐野ら (1993) により報告されておりである。

集団内の遺伝的変異性の程度については、多型座位の割合 (proportion of polymorphic loci: Ppoly) および平均ヘテロ接合体率 (average heterozygosity: \bar{H}) で評価した。また、集団内におけるハーディ・ワインベルグの法則*からのずれは、Wright (1965) の F 統計量の 1 つである F_{IS} を求めて評価した。

Ppoly は、電気泳動により分析した全ての座位に対して、多型を示す座位がどの位あるかを示すものである。ある座位が多型であるかどうかの判断は、対立遺伝子の中で最も高い遺伝子頻度が 0.99 以下である場合、その座位は多型的 (polymorphic) であると定義する。

$P_{poly} = \text{多型座位数} / \text{分析した全座位数}$

\bar{H} は、分析した全ての座位における、遺伝子頻度から計算されたヘテロ接合体の期待頻度 (H) の平均である。

$$H = 1 - \sum q_i^2 = 2 \sum q_i q_j$$

q_i : 1 つの座位における i 番目の対立遺伝子の頻度

F_{IS} は、集団内の近交係数として用いられ、以下の算式により求めた。

$$F_{IS} = (H_E - H_O) / H_E$$

H_E : ハーディ・ワインベルグの法則に従うと仮定したときに得られるヘテロ個体の頻度

Table 1. Protein and enzyme examined

Protein, Enzyme (E. C. No.) ¹	Origin	Locus
Hemoglobin	heart	<i>Hb-I, Hb-II, Hb-III</i>
Albumin	liver	<i>Alb</i>
Transferrin	liver	<i>Tf</i>
Acid phosphatase (3.1.3.2)	liver	<i>AcP</i>
Alcohol dehydrogenase (1.1.1.1)	liver	<i>Adh</i>
Esterase-D (3.1.-.-)	heart	<i>Es-D</i>
Esterase (3.1.-.-)	liver	<i>Es</i>
Catalase (1.11.1.6)	liver	<i>Ct</i>
Leucine aminopeptidase (3.4.11.1)	liver	<i>Lap</i>
Sorbitol dehydrogenase (1.1.1.14)	liver	<i>Sdh</i>
Malic enzyme (1.1.1.40)	muscle	<i>Me-I, Me-II</i>
Malate dehydrogenase (1.1.1.37)	liver	<i>Mdh-I, Mdh-II</i>
Phosphoglucosmutase (2.7.5.1)	liver	<i>Pgm</i>
Phosphoglucose isomerase (5.3.1.9)	heart	<i>Pgi</i>
6-Phosphoglucuronate dehydrogenase (1.1.1.44)	liver	<i>6Pgd</i>
α -Glycerophosphate dehydrogenase (1.1.1.8)	liver	<i>α-Gpd</i>
Mannose-phosphate isomerase (5.3.1.8)	muscle	<i>Mpi-I, Mpi-II</i>
Isocitrate dehydrogenase (1.1.1.42)	muscle	<i>Icdh-I, Icdh-II</i>
Esterase (3.1.-.-)	liver	<i>Es-III</i>
Amylase (3.2.1.1)	pancreas	<i>Amy</i>
Aspartate aminotransferase (2.6.1.1)	heart	<i>Aat-I, Aat-II</i>
Lactate dehydrogenase (1.1.1.27)	heart, muscle	<i>Ldh-H, Ldh-M</i>
Adenylate kinase (2.7.4.3)	muscle	<i>Ak</i>
Creatine kinase (2.7.3.2)	heart, muscle	<i>Ck-B, Ck-M</i>
Esterase (3.1.-.-)	pancreas	<i>Es-4</i>

¹ Enzyme Commission classification number

H₀: 実際に観察されたヘテロ個体の頻度

F_{IS} は、1 以下の値で計算され、負数であることもある。その場合は、他集団からの遺伝子が導入されている可能性が考えられる。

集団間の遺伝的分化の程度については、Wright (1965) の F 統計量の 1 つである F_{ST} および Nei (1975) の遺伝距離 (genetic distance: D) をそれぞれ求めた。また、遺伝的な類縁関係は、D を用いた枝分かれ図を作成して評価した。さらに、各座位における遺伝子頻度を用いて分散共分散行列による主成分分析を行なった (奥野ら, 1981)。

F_{ST} は、次式により求められる。

$$F_{ST} = (H_T - H_S) / H_T$$

H_T: 全集団がハーディ・ワインベルグの法則に従う 1 つの無作為交配集団と仮定したときに得られるヘテロ個体の期待頻度

H_S: 各集団について求めたヘテロ個体の期待頻度を

全集団について平均したもの

尚、F_{ST} と Nei (1973; 1977) が提案している G_{ST} は同義であり、どちらも非負数である (野澤, 1994)。

D は、集団 X と集団 Y の間における遺伝子構成の差異の程度を表すものである。X および Y 集団における第 i 対立遺伝子の頻度をそれぞれ q_{iX} および q_{iY} とした場合、D は次式で計算される。

$$D = -\log_e \frac{\sum_i q_{iX} q_{iY}}{\sqrt{(\sum_i q_{iX}^2 \cdot \sum_i q_{iY}^2)}}$$

D は、生物集団における系統や進化を解明する場合に、集団間の分化時間を算出できるという利点がある。

* ハーディ・ワインベルグの法則: 自然淘汰, 突然変異, 移住, 遺伝的浮動などの要因が働かず, 任意交配の行なわれている理想集団では, 常染色体上の遺伝子座における遺伝子型頻度が世代と共に変わらないという法則のこと (大羽, 1986; 野澤, 1994 など)。

III-2. ウズラ集団における遺伝子頻度

野生ウズラにおいてのみ検出された突然変異型の遺伝子は、*Acp^C*, *α-Gpd^B*, *Mpi-I^D*, *Aat-I^B* および *Ldh-H^A* であった。尚, *Ldh-H^C* は, 野生ウズラでは何度か発見されているが, 家禽ウズラでは 1 集団 (N-IV) のみで発見された。N-IV は, 前述のように, 河原 (1976) により富士山麓で捕獲された野生ウズラを 15 年間閉鎖集団として維持されたものである。したがって, *Ldh-H^C* は, 野生ウ

ズラ由来である可能性が示唆された。一方, 家禽ウズラにおいてのみ検出された突然変異型の遺伝子としては, *Hb-I^B*, *Tf^A*, *Tf^C*, *Pgm^C* および *AK^B* があった。

分析した 34 座位における遺伝的多型の程度を評価するために, Table 2 に用途別にみたウズラ集団の各座位におけるヘテロ接合体率の平均を示した。全集団において, 遺伝的多型の程度が高いと考えられた座位は, *Ct*, *6Pgd* および *Es-4* であった。この内 *6Pgd* については,

Table 2. Mean of heterozygosity at each locus in quail populations

Locus	Mean of heterozygosity (H)		
	wild quail	commercial quail	laboratory quail
<i>Hb-I</i>	0	0.015±0.033	0.085±0.143
<i>Hb-II</i>	0	0	0
<i>Hb-III</i>	0	0	0
<i>Alb</i>	0.007±0.018	0.008±0.024	0.046±0.123
<i>Tf</i>	0	0	0.049±0.132
<i>Acp</i>	0.089±0.053	0	0.096±0.170
<i>Adh</i>	0.134±0.066	0.457±0.055	0.364±0.160
<i>Es-D</i>	0.069±0.060	0.389±0.109	0.306±0.197
<i>Es</i>	0.212±0.075	0.374±0.123	0.252±0.193
<i>Ct</i>	0.464±0.039	0.485±0.009	0.485±0.019
<i>Lap</i>	0	0	0
<i>Sdh</i>	0.028±0.022	0.082±0.058	0.014±0.030
<i>Me-I</i>	0.295±0.181	0.228±0.104	0.149±0.123
<i>Me-II</i>	0	0	0
<i>Mdh-I</i>	0	0	0
<i>Mdh-II</i>	0	0	0
<i>Pgm</i>	0.003±0.007	0.004±0.013	0.025±0.065
<i>Pgi</i>	0.099±0.081	0.346±0.113	0.180±0.158
<i>6Pgd</i>	0.470±0.036	0.613±0.066	0.450±0.192
<i>α-Gpd</i>	0.035±0.041	0	0
<i>Mpi-I</i>	0.159±0.078	0.151±0.130	0.162±0.135
<i>Mpi-II</i>	0	0	0
<i>Icdh-I</i>	0.060±0.046	0	0.033±0.129
<i>Icdh-II</i>	0.024±0.031	0.003±0.013	0
<i>Es-III</i>	0	0	0
<i>Amy</i>	0.103±0.073	0.117±0.045	0.076±0.109
<i>Aat-I</i>	0.003±0.007	0	0
<i>Aat-II</i>	0	0	0
<i>Ldh-H</i>	0.041±0.065	0	0.003±0.013
<i>Ldh-M</i>	0	0	0
<i>Ak</i>	0	0	0.006±0.025
<i>Ck-B</i>	0	0	0
<i>Ck-M</i>	0	0	0
<i>Es-4</i>	0.374±0.059	0.471±0.055	0.410±0.078

Powell (1975) により、他の脊椎動物一般と比べて鳥類では多型の程度が高いと報告されている。

野生ウズラと家禽ウズラを比較すると、*Adh*, *Es-D*, *Sdh* および *Pgi* の 4 座位については、野生ウズラよりも家禽ウズラの方が遺伝的多型の程度が高かった。さらに家禽ウズラでは、コマーシャル・ウズラの方が研究用ウズラよりも遺伝的多型の程度が高い座位が多かった。これらの座位の対立遺伝子は、主成分分析の結果から、遺伝的分化について寄与の大きい遺伝子として挙げられる場合が多かった。

III-3. ウズラ集団内における遺伝的変異性

ウズラ集団内の遺伝的変異性について Ppoly, \bar{H} および F_{IS} により評価した。さらに、家禽化による遺伝的変異性の変化を考察するために、各ウズラ集団を用途別に分類して、それらの結果を Table 3 に示した。また、種としてのウズラの遺伝的変異性を考察するための比較として、他の鳥類（スズメ、コリンウズラ、ヒメウズラ、そしてカワラバト；食用バトおよびドバト）の遺伝的変異性についての結果も示した（Table 3）。

野生ウズラおよび家禽ウズラの Ppoly は、それぞれ 0.378 ± 0.027 および 0.292 ± 0.029 であり、野生ウズラの値の方が高かった。一方、 \bar{H} については、それぞれ 0.078 ± 0.006 および 0.096 ± 0.035 であり、家禽ウズラの方が高かった。野生ウズラ集団では、より多くの座位で多型を示したが、突然変異型遺伝子の出現頻度は低く、しか

もヘテロの状態で保有されている場合が多かった。Ppoly は、分析する個体数が少ない場合や用いた標識遺伝子の選択によって値が大きく変わることがある。したがって、 \bar{H} の方が Ppoly よりも正確に変異性を表していると考えられる。

木村と藤井（1989）は、これまでに報告されている鳥類において、25 種の Ppoly 値および 22 種の \bar{H} 値の平均値と標準偏差が、それぞれ 0.273 ± 0.136 および 0.066 ± 0.033 になると概算している。これらの結果および Table 3 に示した他の鳥類と比較すると、種としてのウズラは、他の鳥類よりも幾分高い遺伝的変異性をもっていていると考えられた。また、ウズラにおいて野生および家禽集団を比較すると、家禽ウズラの方が野生ウズラよりも高い遺伝的変異性をもっていた。さらに、コマーシャル・ウズラと研究用ウズラでは、コマーシャル・ウズラの方が高い遺伝的変異性をもっていた。

F_{IS} については、本研究で調査した全ての野生ウズラ集団が正の F_{IS} 値をもっていたのに対して、家禽ウズラ、特に研究用ウズラ集団には、負の F_{IS} 値をもつものが多かった。これは、ウズラでは遺伝的負荷が大きいために、集団を維持することが他の家畜と比べて難しく、特に研究用ウズラの場合は、コマーシャル・ウズラと比べて集団の大きさが小さいために系統維持が困難になり、他からの遺伝子の導入を余儀なくされたことによるのではないかと考えられた。尚、研究室で閉鎖集団として維持さ

Table 3. Genetic variability in bird populations

species	Number of populations	Number of Loci	Ppoly	\bar{H}	F_{IS}	Reference
Japanese Quail (<i>Coturnix japonica</i>)						
wild	3	34	0.378 ± 0.027	0.078 ± 0.006	0.067 ± 0.062	Kimura and Fujii (1989)
domestic	89	1-34	0.292 ± 0.094	0.096 ± 0.035	0.030 ± 0.156	Sano and Kimura (1998)
commercial	49	1-34	0.326 ± 0.029	0.109 ± 0.043	0.048 ± 0.169	Sano and Kimura (1998)
laboratory	40	23-34	0.268 ± 0.084	0.088 ± 0.024	0.008 ± 0.155	Sano and Kimura (1998)
Tree Sparrow (<i>Passer montanus</i>)						
wild in China	1	20	0.300	0.041	0.098	Sano and Kimura (1993)
wild in Japan	1	22	0.273	0.078	0.215	Kimura and Yamamoto (1982)
Bobwhite (<i>Colinus virginianus</i>)						
laboratory	1	28	0.107	0.041	0.222	Sano <i>et al.</i> (1992 b)
Indian Blue Quail (<i>Excalfactoria chinensis</i>)						
laboratory	1	34	0.147	0.047	0.278	Sano <i>et al.</i> (1991)
Domestic Pigeon (<i>Columba livia var. domestica</i>)						
domestic in France	1	20	0.200	0.071	-0.040	Sano <i>et al.</i> (1992 a)
feral in Japan	4	20	0.284	0.079	0.093	Sano <i>et al.</i> (1992 a)
feral in Japan	5	28	0.243	0.068	0.107	Kimura <i>et al.</i> (1991)

れている, コリンウズラおよびヒメウズラは, どちらもウズラ集団より高い F_{IS} 値をもっていた (Table 3)。

本研究において, 家禽ウズラ集団の遺伝的変異性は, 原種である野生ウズラ集団よりも高い値を示した。これは, 多くの家禽ウズラの F_{IS} が負の値をもっていたことから推察できるように, 改良のために, 系統融合が行なわれているためであると考えられた。

III-4. ウズラ集団間における遺伝的分化の程度

遺伝的分化の程度の指標としては, F_{ST} および Nei (1975) の遺伝距離 (D) を用いた。また, 遺伝的類縁関係については, D からの枝分かれ図および遺伝子頻度についての主成分分析の調査結果に基づいた散布図を作成し, 考察した。

F_{ST} について, 木村と藤井 (1989) により, 野生ウズラ 3 集団間では 0.017, そして他の野鳥 25 種の平均値と標準偏差は 0.029 ± 0.025 と評価され, 野生ウズラ集団間の遺伝的分化の程度は小さいことが示唆された。また, 家禽ウズラ集団間における F_{ST} の平均値と標準偏差は 0.097 ± 0.078 であり (Sano and Kimura, 1998), 野生ウズラよりも家禽ウズラの方が集団間の遺伝的分化の程度が大きかった。コマーシャル・ウズラ集団間の平均値と研究用ウズラ集団間の平均値は, それぞれ 0.048 ± 0.028 と 0.153 ± 0.079 であり (Sano and Kimura, 1998), 研究用ウズラの方が大きかった。

家禽化にともなってウズラ集団が遺伝的にどのように, またどの程度分化するのかを D を用いて評価した。野生ウズラと家禽ウズラ集団間の D の平均値は 0.0276, そしてコマーシャル・ウズラと研究用ウズラ集団間の平均値は 0.0166 であった。したがって, 野生ウズラからコマーシャル・ウズラがまず分化し, ついでコマーシャル・ウズラから研究用ウズラが分化したことが示唆された。これらの結果は, ウズラの家禽化の歴史とよく一致していた。

D による枝分かれ図および主成分分析に基づいた散布図において, 野生ウズラ集団と家禽ウズラ集団は, それぞれ独立したクラスターを形成していた。これらの内, 野生ウズラ集団相互間および国産コマーシャル・ウズラ集団相互間は, それぞれ緊密なクラスターを形成していた。遺伝的類縁関係の結果から, 家禽ウズラ集団は, 全体としてまとまったクラスターを形成していた。これらの結果として, 家禽化することにより, 遺伝子組成全体が共通に変化している可能性が考えられた。

IV. 遺伝資源としての野生ウズラの可能性

ウズラは, 主として平地から山地の草原や農耕地に生息し, 冬は暖地の川原や休耕地などの草地に生息し, イ

ネ科などの種子や昆虫・クモなどを食べている (吉井, 1988)。すなわち, ウズラの生態はヒトの居住空間に密接に関わっているといえる。また, ウズラは狩猟鳥として認められているが, その捕獲数は激減している (木村, 1991; 1996)。このため, 大日本猟友会などが家禽ウズラの放鳥を試みている (茨城県猟友会, 1981; 環境省自然環境局, 2000)。さらに, ウズラは, 他の野鳥と比べて実験動物としての多岐に亘るデータがより多く蓄積されているだけでなく, 家禽ウズラと野生ウズラとの比較が可能であるという, 大きな利点がある。したがって, 野生ウズラは, 家禽ウズラにおいて品種を確立するための遺伝資源としての利用のみならず, たとえば, 「環境監視指標動物」や「希少鳥類保護策検討におけるパイロットアニマル」などに適していると考えられる。

「環境監視指標動物」とは, 生息している環境の自然状況を推定できる動物のことである。環境監視動物は, 1980 年代までは, 大気や水質汚染などの原因と考えられる有害物質に対する指標としての利用が主流であった。たとえば, 近藤 (1985) は, 環境監視に適している動物種の条件として, 自然状態で世代を超えて観察可能であること, ヒトと同等の生活環境をもち一定地域に定住していること, そして分布域が広く, 国内・国外を問わず多数観察できることを挙げ, ウズラは, 渡りの習性からドバトやムクドリ (*Grey Starling, Sturnus cineraceus*) よりも監視が困難であると述べている。しかし, 高橋ら (1989) は, 大気汚染ガスの一つである二酸化窒素に対する感受性がウズラではマウスやラットよりも高いことを報告し, 環境汚染指標動物としての適性を示唆している。

1991 年に環境庁 (当時) により「日本の絶滅のおそれのある野生生物—レッドデータブック— (脊椎動物編・無脊椎動物編)」が発刊された。これは, 希少野生生物の保護を推進するための基礎的な資料として作成されたものである。そして, 1992 年に生物多様性条約が締結され, 1993 年に日本で環境基本法が制定された。これらの条約や法律により, 環境指標の主流は, 環境汚染に対する指標から多様性保全についての指標へと移行した。さらに, 1997 年には日本で環境影響評価法が成立・公布された。これらのことから, 多くの地方自治体は, 生物多様性保全のための基礎資料として, 環境省とは異なる独自の「レッドデータブック」を作成している。

ウズラは, 環境省作成のレッドデータブックには, 情報不足 (DD: Data Deficient) のカテゴリーに掲載されている。情報不足とは, 環境条件の変化によって, 容易に絶滅危惧のカテゴリーに移行し得る属性を有しているが, 生息状況をはじめとして, ランクを判定するに足る

情報が得られていない種のことである。ウズラがレッドデータブックのDDに掲載されている地方自治体としては、たとえば愛知県などの9県が挙げられる。また、宮城県をはじめ2府7県のレッドデータブックには、ウズラは、最も絶滅の危機に瀕していると考えられる絶滅危惧I類に掲載されている。平成15年現在でレッドデータブックを発刊もしくは公表している43中28都道府県において、ウズラはレッドリスト、すなわち絶滅のおそれのある種として掲載されている。

以上のように、野生ウズラは、全国で生息数および狩猟鳥としての捕獲数が激減しており、その絶滅が危惧されている。野生ウズラは、レッドデータブックに掲載されている他の種とは異なり、放鳥調査や実験動物としての基礎データの集積そして家禽ウズラという遺伝資源が存在している。したがって、希少鳥類保護策検討におけるパイロットアニマルとしての有用性は大きいと考えられる。これら「環境監視指標動物」や「希少鳥類保護策検討におけるパイロットアニマル」の効率的な利用のためには、野生ウズラ集団の渡りのルートにおける遺伝的変異性の調査が必須である。

本研究で調査した野生ウズラ3集団は、それぞれ鹿児島県、高知県および静岡県で捕獲されたものであり、集団間の遺伝的分化の程度は小さかった(木村と藤井, 1989)。これら3集団は、日本における渡りのルートが同じ、すなわち朝鮮から九州へ越冬するルート由来である可能性も考えられる。したがって、もう一方の渡りのルートである、北海道や東北地方の野生ウズラ集団について調査をする必要がある。これら渡りのルートにおける遺伝的変異性および生息数や生息地などの詳細な調査は、急務であろう。

最近、Changら(2001)およびWangら(2003)は、中国山東省と江蘇省の省境にある微山湖の南西岸の沛県で捕獲した野生ウズラについて遺伝的変異性をはじめとする調査を開始した。Changら(2001)は、この中国の野生ウズラ集団と、著者らがすでに報告している日本の野生ウズラ集団、中国陝西省のコマーシャル・ウズラおよび日本、カナダ、フランスの家禽ウズラ集団(Sano *et al.*, 1997; 佐野ら, 2001)との遺伝的類縁関係を分析した。彼らは、中国の野生ウズラ集団は、日本の野生ウズラ集団のクラスターではなく、家禽ウズラ集団のクラスターに組み込まれたと報告している。尚、ハワイの再野生ウズラ集団(WH89; 佐野ら, 1995)は、日本の野生ウズラ集団のクラスターに組み込まれていた。今後、中国や日本における野生ウズラの生態や渡りのルートについての調査により、家禽ウズラの品種を確立する際においても重要な情報が得られるであろう。

V. 遺伝資源としての家禽ウズラの可能性

家禽ウズラは、日本においてのみ家禽化された上にその歴史が新しいことから、近交退化の影響を受けやすく、品種の確立が困難である。今後、家禽ウズラにおいて品種を確立することは、産業面だけでなく、実験動物としての利用からも緊急の課題である。

ウズラにおいて品種を確立するためには、第一に、品種確立の母集団の遺伝的変異性を高く保持することが必要である。そのためには、母集団を構成している個体数が多いこと、そして、特に品種確立の初期段階において、母集団の構成個体の遺伝子構成が多様であることが必要である。したがって、母集団を作成する際には、たとえば、中国、フランス、カナダなどの外国産の家禽ウズラ集団や渡りのルートや生息地などが異なる野生ウズラ集団からの個体を導入することにより、より高い遺伝的変異性を保持できる可能性がある。これら母集団の作成・維持は、個人では困難であることが予想されるので、産・官・学の協力体制を作ることが必須であろう。

品種確立のための第二の課題としては、近交退化の機構を解明することが挙げられる。これまでの近交退化の指標は、孵化した個体の繁殖能力に関するものが多い。これは、具体的な近交退化現象として、繁殖能力の低下が顕著であるからである。しかし、孵化途中で斃死する個体には、近交退化の因子が顕在化している可能性が高いと考えられる。したがって、たとえば、生殖系列細胞の形成にともなう遺伝子発現の変化を解析することにより、近交退化の機構の解明に関する有用な情報が得られる可能性が考えられる。また、生殖系列細胞の操作技術が確立されることにより、新たな近交回避策の提言が可能となるであろう。これらの研究材料としてもウズラは適していると考えられる。

品種を確立するために必要な技術の開発としては、雌雄鑑別および人工授精が挙げられる。ニワトリの雌雄鑑別技術の詳細は、島田(2002)により報告されているが、ウズラに関するこれらの技術は、ニワトリよりも立ち遅れている。ウズラにおいては、1965年に、初生雛の肛門観察による雌雄鑑別技術が完成し、現在でも主流となっている。ウズラの初生雛雌雄鑑別は、主としてニワトリの鑑別師により行なわれている。したがって、ニワトリでの羽毛鑑別法の普及による鑑別師の減少および高齢化は、ウズラにおいても問題となっている。また、伴性遺伝を利用した羽毛による雌雄鑑別は、ウズラにおいても試みられている。現在、ウズラでは、Z染色体上にある、BR座位およびAL座位において、それぞれ3つずつの対立遺伝子が発見されている(Minvielle *et al.*, 2000)。

これらの遺伝子を利用して、日本ではブラウン羽装を用いた鑑別が試みられている。また、中国では、不完全アルビノも利用されているようである。

ウズラの人工授精は、雄の精液採集が困難であることから実用化には至っていない。これらの技術の確立は急務である。

V-1. コマーシャル・ウズラ

現在、日本のコマーシャル・ウズラのほとんどは産卵用である。卵は、生産量の約 30% が生食され、残りの約 70% は水煮加工されている。日本のウズラ卵の水煮加工技術は、人件費等コストを削減する目的から、韓国、タイ、台湾、中国そしてシンガポールなどに導入された。その後、これらの国では、ウズラ卵の水煮加工が産業として順調に発達し、日本へも製品を輸出している。したがって、今後日本では、国産の卵が飛躍的に生産量を増加できる可能性はあまり高くないかもしれない。さらに、日本では、養鶏農家に対して組織的な雛の供給体制が整備されていないため、近交退化が問題となっている。著者らの養鶏農家に対する聞き取り調査においても、産卵率の向上よりは、「強健で近交退化の少ないウズラ品種の確立」が要望として多く挙げられた。これらの要望に対して、愛知県農業総合試験場養鶏研究所（現：畜産研究部）が優良な産卵用ウズラの系統（強健系、早熟多産系および適正卵重系）の確立に取り組んでいる（野田，1999；2003）。

食肉としての主な利用は、日本では焼き鳥用のみである。したがって、廃鶏は、北海道で飼育されているミンクや動物園で飼育されている肉食動物のエサとして僅かに利用される以外は、ほとんどが糞と一緒に焼却処分されている。その他の廃鶏利用としては、聞き取り調査によれば、1965 年から 1968 年頃まで、ウズラ肉の燻製油漬の缶詰が製造、販売され、西ドイツ（当時）へも輸出されていた。しかし、各養鶏農家に屠殺、脱毛、内臓除去が委託されていたために農家の負担が大きくなり、生産は打ち切られた。一方、フランス、カナダそして中国をはじめ、海外では家禽ウズラを産卵用だけでなく、肉として積極的に利用し、体重の大きい方向への選抜も行なわれている。海外の体重大選抜個体は、近交回避のために日本へ導入が試みられたが、産卵用としてはコストが高いなどの理由により、大きな成果は得られていない。

ヨーロッパ、特にフランスでは、ウズラ肉は高級食材の一つである。一方、日本では、1697 年に人見必大は「本朝食鑑」の中で、田鼠が 3 月にウズラに変化し、8 月には再び鼠に戻るといわれているので、女子供はウズラを食べないと記している。しかし実際には、鷹狩の獲物として捕獲されるなど、古くから食用していた。現在で

も懐石料理では、食材として利用されている。平成 3 年のウズラ飼育羽数は約 695 万羽、食鳥としては約 160 万羽が処理された。それから 10 年後の平成 13 年現在では、飼育羽数が 742 万羽と増加しているのに対して、食鳥処理羽数は 90 万羽と減少している。実際に、廃鶏による収入は、養鶏農家の経営収支、または愛知県による所得概算でも、全体の数% 程度にすぎない。今後、ウズラの肉利用が拡大されれば、家禽ウズラが産業として発達する可能性は大きいであろう。

V-2. 研究用ウズラ

これまでに繰り返し述べてきたように、家禽ウズラは、近交退化の影響を受けやすく、系統を作成・維持することは困難である。実験的に極端な近親交配を行なった例として、たとえば前田ら（1981）は、ヘモグロビン型のヘテロ型同士の交配を組み込んだ全きょうだい交配により 12 世代を得た。得られた近交係数は 0.925 であった。また、近交退化の問題に関連して、突然変異型の遺伝子の集団での維持や近交系の作出のために交配方法についても検討されている（新城ら，1971；長澤ら，1983）。

本研究では、研究用ウズラ 40 集団の遺伝的変異性について調査を行なった。これらの内で、閉鎖集団として長期間系統維持することに成功している集団としては、佐賀大学 3 集団（SU-L, SU-S および SU-R）と国立環境研究所で 2 集団（K-L_A および K-H_A）が挙げられる。佐賀大学で系統維持されている 3 集団は、6 週齡体重を指標にして体重の大小方向へ選抜した 2 集団（SU-L と SU-S）、そしてこれらの体重の対照としてランダム交配している集団（SU-R）である。これらの集団の詳細な特徴については、すでに報告されている（朴ら，2002；Suda *et al.*, 2002；Suda and Okamoto, 2003）。また、国立環境研究所で維持されている 2 集団は、ニューカッスル病ウィルス不活化ワクチンに対する抗体産生能の高低（K-L_A および K-H_A）を指標にしていたものである。以上の 5 集団は、いずれも国産コマーシャル・ウズラを起源として導入後 20 年以上閉鎖集団として維持されている。これら 5 集団は、他の家禽ウズラ集団よりも 1/2 程度低い遺伝的変異性を持ち、現在の国産コマーシャル・ウズラ集団とは、一般動物種の地方品種間レベルの大きさで遺伝的に分化していた。参考のために、これら 5 集団と国産コマーシャル集団の遺伝的類縁関係を Figure 1 に示す（佐野ら，1996）。尚、Figure 1 において、SU-S はその始祖集団の SU-R ではなく SU-L とクラスターを形成していた。これらの結果は、朴ら（2002）が行なった AFLP 法による分析結果と一致していた。一方、国立環境研究所で維持されている 2 集団は、現在では希少鳥類

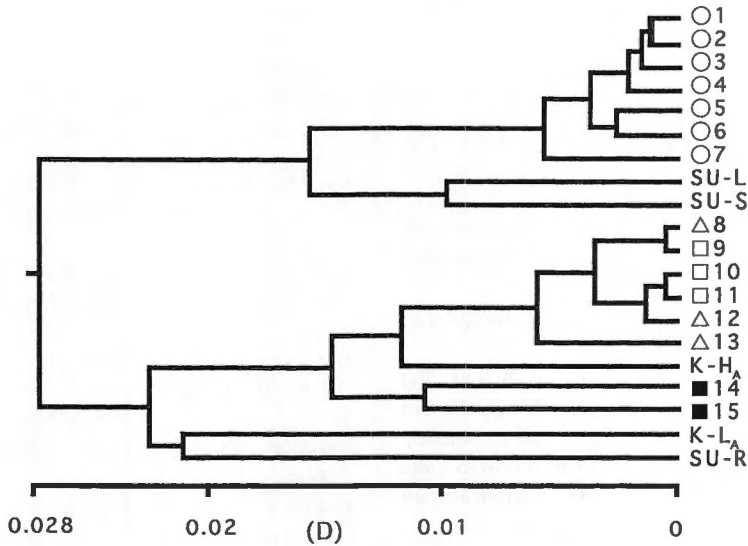


Fig. 1. Dendrogram drawn from genetic distance among 20 quail populations.*

Open circles represent wild populations, open squares represent commercial populations in Japan, closed squares represent commercial populations in Canada and France, and open triangles represent laboratory populations. 1, WO85; 2, WK83; 3, WK86; 4, WK84; 5, WK82; 6, WK85; 7, WSHI; 8, NS-I; 9, SZOR; 10, BNN; 11, SZK; 12, NS-II; 13, SC-J2; 14, FRA2; 15, Giant
* : Sano *et al.*, 1996

の増殖率向上のモデル動物としても利用されている。すなわち、近交退化からの回復型モデル (K-L_A) および近交退化による絶滅モデル (K-H_A) として調査が行なわれている。これら5集団が広い分野で調査されることにより、ウズラの品種確立に関する有益な情報も得られるであろう。

おわりに

ウズラという和名の由来については、新井白石が1719年に「東雅」において、“ウツラとは、古語に<フ>と云ひ、<ウ>といふ義。ウとは叢のこと。<ツラ>とは群あるをいふ”と説明している。つまりウズ(ツ)ラとは、粟畑や豆畑などの草むらに群がっている鳥という意味である。ウズラの別名をカヤクキともいうが、カヤとは一般的に草のことをいい、クキとは“入る”という意味で、カヤクキとは“草の中に入る”ということである。(中村, 1981)。また、ウズラ(鶉)は、美術工芸品の題材や、古くから和歌に詠まれ、「鶉豆」や「鶉餅」など、鶉がついた言葉が数多く存在している。これらことから、ウズラが昔の日本人にとって非常に身近な存在であり、その生態についてよく理解されていたことは周知の事実である。しかし現在は、ウズラといえば給食の卵フライやトコロ蕎麦のトッピング位しか連想できない程、馴染みがない。

人間は、親近感を抱いているものが消滅する可能性が高まれば、それを未然に防ぐための努力するものである。ウズラが私達にとって、より身近な存在となり、ウズラとの関わりが文化として発達・継承されるならば、今後のウズラ産業は飛躍的に発展するだけでなく、野生ウズラや他の希少鳥類の復活も現実的になるであろう。

謝 辞

これまで終始変わらぬ御指導を頂いている木村正雄先生、上吉道治先生そして内藤充先生に深く感謝致します。中国における調査に際し、御指導と惜しみない御助力を賜りました野澤謙先生、常洪先生そして黒澤弥悦先生に深謝致します。また、常に暖かい御助言を頂いている前田芳實先生そして森誠先生に深謝致します。材料採集および聞き取り調査に際して御協力頂いたKM Cheng先生、岡本悟先生、中村明先生、高橋慎司先生、羽賀勇氏、尾澤昭夫氏および柵木久尚氏に感謝致します。そして、共同研究者である後藤直樹氏、宇野由利子氏、祖父江尚子氏、後藤みゆき氏、福田博司氏、岡本俊英氏および杉浦正明氏に謝意を表します。

本稿は平成14年度日本家禽学会奨励賞受賞課題「鳥類における集団の遺伝的変異性の解析と人工増殖技術の開発に関する研究」の内容の一部をまとめたものです。

学会賞奨励賞選考委員会そしてこの機会を与えて下さった編集委員の諸先生に深謝致します。

引用文献

- 阿部 学・柚木 修日本語訳監. ジョナサン・エルフィック編. 世界の渡り鳥アトラス. 第1版. 98頁. ニュートンプレス. 東京. 2000.
- American Ornithologists' Union. Check-list of North American birds. Allen Press, Inc., Lawrence, Kansas. 1983.
- Brewer GJ. 'An introduction to isozyme technique.' Academic Press, New York. 1970.
- Chang GB, H Chang, HL Zhen, XP Liu, W Sun, RQ Geng, YM Yu, SC Wang, SM Geng, XL Liu, GQ Qin and W Shen. Study on phylogenetic relationship between wild Japanese quails in the Weishan Lake Area and domestic quails. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, 14 : 603-607. 2001.
- Cheng KM and M Kimura. Mutations and major variants in Japanese quail. In : *Poultry Breeding Genetics* (RD Crawford eds.). 1st ed. pp. 333-362. Elsevier Sci. Pub. B.V., Amsterdam. 1990.
- Cheng KM, M Kimura and S Fujii. A comparison of genetic variability in strains of Japanese quail selected for heavy body weight. *Journal of Heredity*, 83 : 31-35. 1992.
- Crawford RD Origin and history of poultry species. In : *Poultry Breeding Genetics* (RD Crawford eds.). 1st ed. pp. 1-42. Elsevier Sci. Pub. B.V., Amsterdam. 1990.
- Grzimek B. *Animal Life Encyclopedia*. Van Nostrand Reinhold Company. New York. 1972.
- 本間運隆. 実験動物としてのウズラの過去と将来. *日本ウズラ研究グループ*. 2 : 1-10. 1966.
- 茨城県猟友会. ウズラの放鳥・捕獲. *大日本猟友会会報*. 73. 1981.
- 磯貝岩弘. 日本ウズラの体型に関する育種学的研究. 岐阜大学農学部研究報告. 30 : 155-287. 1971.
- 河原孝忠. 実験用ウズラの由来と有用性. *実験動物*. 25 : 351-354. 1976.
- 環境省自然環境局. 平成12(2000)年度鳥獣関係統計. 2000.
- 環境庁編. 日本産鳥類の繁殖分布. 123頁. 大蔵省印刷局. 東京. 1981.
- 木村正雄. 鳥類蛋白質の遺伝的変異 I. でん粉ゲル電気泳動法による家鶏卵白の分類. 岐阜大学農学部研究報告. 22 : 192-200. 1966.
- 木村正雄. ウズラの蛋白質多型について. *日本家禽学会誌*. 19 : 211-221. 1982.
- Kimura M and S Yamamoto. Protein polymorphism in a feral population of the pigeon *Columba livia domestica*. *Animal Blood Groups and Biochemical Genetics*, 13 : 299-303. 1982.
- Kimura M. Genetic variability in a population of wild Japanese quail kept for 15 years in a domestic environment. *Animal Genetics*, 20 : 105-108. 1989.
- 木村正雄・藤井貞雄. 野生ウズラと家禽ウズラ集団における遺伝的変異性. *日本家禽学会誌*. 26 : 245-256. 1989.
- 木村正雄. 野生ウズラのツキ網猟および日本における野生ウズラの捕獲羽数の推移に関する考察. *日本家禽学会誌*. 28 : 166-169. 1991.
- 木村正雄・佐野晶子・祖父江尚子. ドバト集団における遺伝的変異性. 岐阜大学農学部研究報告. 56 : 7-13. 1991.
- 木村正雄. 産業動物, 実験動物としてのウズラ. 畜産の研究. 47 : 192-196. 1993.
- 木村正雄. 野生ウズラ. 畜産の研究. 50 : 198-202. 1996.
- 清棲幸保. 日本鳥類大図鑑 II. 増補改訂版. 735-739頁. 講談社. 東京. 1979.
- 近藤恭司. 実験動物の遺伝的コントロール. 第1版. 139-158頁. ソフトサイエンス社. 東京. 1983.
- 近藤恭司. 環境監視動物. 文部省「環境科学」研究報告集 B229-R21-12. 1-4. 1985.
- 黒田長久. 動物大百科第7巻 鳥類 I. 第1版. 140-143. 平凡社. 東京. 1986.
- 黒田長禮. 本邦及び欧州産ウズラ類の比較研究. *動物学雑誌*. 26 : 13-18. 1914.
- Lepori NG. Primi dati sugli ibridi di *Cournix c. japonica* female × *Coturnix c. coturnix* male allevamento. *Riv. Ital. Orn.* 34 (II) : 193-198. 1984.
- Long JL. *Introduced birds of the world*. AH and AW Reed, Sydney. 1981.
- 前田芳實・伊集院正敏・橋口 勉・武富萬治郎. ウズラ近交系作出の試み. *日本家禽学会誌*. 18 : 86-97. 1981.
- Minvielle F, S Ito, M Inoue-Murayama, M Mizutani and N Wakasugi. Genetic analysis of plumage color mutations on the Z chromosome of Japanese quail. *The Journal of Heredity*, 91 : 499-501. 2000.
- 長澤 浩・前島一淑・山田淳三・藤原公策・松下 宏・横山 昭. 実験動物ハンドブック. 第1版. 267-273頁. 養賢堂. 東京. 1983.
- 仲田幸男. 野鳥を飼う. 第1版. 丸の内出版. 東京. 1966.
- 中村 浩. 動物名の由来. 第1版. 154頁. 東京書籍. 東京. 1981.
- Nei M. Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proceedings of National Academy of Sciences of the U.S.A.*, 70 : 3321-3323. 1973.
- Nei M. *Molecular population genetics and evolution*. North-Holland Publishing Company, Amsterdam-Oxford. 1975.
- Nei M. F-statistics and analysis of gene diversity in subdivided populations. *Annals Human Genetics*, 41 : 225-233. 1977.
- 野澤 謙. 動物集団の遺伝学. 第1版. 名古屋大学出版会. 名古屋. 1994.
- 野田賢治. 愛知県特産家禽「ウズラ」の育種戦略. 東海

- 畜産学会報, 10: 18-21. 1999.
- 野田賢治. 愛知県農業総合試験場養鶏試験所の紹介. 日本家禽学会誌, 40: J31-J32. 2003.
- 農林水産省農林水産技術会議事務局. 昭和農業技術発達史. 第4巻. 畜産編/蚕糸編. 第1版. 123-125頁. 農林水産技術情報協会. 東京. 1995.
- 大羽 滋. 集団の遺伝. 第1版. 東京大学出版会. 東京. 1986.
- 小田厚太郎. 実験15年鶉飼育法. 小田鳥類研究所. 東京. 1917.
- Ogita Z. Genetico-biochemical analysis on the enzyme activities in the house fly by agar gel electrophoresis. Japan Journal of Genetics, 37: 518. 1962.
- 奥野忠一・久米 均・芳賀敏郎・吉沢 正. 多変量解析法. 日科技連. 東京. 1981.
- 大森清次郎. 鶉を飼ふて10年. 東京堂書店. 東京. 1918.
- Padgett CA and WD Ivey. The Coturnix quail as a laboratory research animal. Science, 129: 267-268. 1959.
- 朴 君・岡本 悟・小林 真・和田康彦・前田芳實. 日本ウズラの生産形質に関するヘテロシス効果. 1) 体重大系統と無作為交配集団の系統間交雑におけるヘテロシス効果. 日本家禽学会誌, 39: J139-J146. 2002.
- Pala M and AM Lissia-Frau. Ricerche sulla sterilita degli ibridi tra la quaglia giapponese (*Coturnix c. japonica*) e la quaglia europa (*Coturnix coturnix*). Riv. Ital. Orn. 36 (II): 4-9. 1966.
- Powell JR. Protein variation in natural populations of animals. Evolution Biology, 8: 79-119. 1975.
- 佐野晶子・後藤みゆき・KM Cheng・木村正雄. ヒメウズラ集団における遺伝的変異性の評価とウズラとの比較. 岐阜大学農学部研究報告, 56: 1-6. 1991.
- 佐野晶子・木村正雄・祖父江尚子. 食用バトとドバトの胸筋の酵素蛋白質多型に基づく遺伝的変異性の比較. 日本家禽学会誌, 29: 266-270. 1992a.
- 佐野晶子・宇野由利子・木村正雄. コリンウズラ集団における遺伝的変異性の評価. 岐阜大学農学部研究報告, 57: 65-70. 1992b.
- 佐野晶子・福田博司・木村正雄. コマーシャル・ウズラ集団の遺伝的変異性. 日本家禽学会誌, 30: 316-318. 1993.
- 佐野晶子・後藤直樹・木村正雄. コマーシャル・ウズラ集団間の遺伝的分化. 日本家禽学会誌, 31: 276-286. 1994.
- 佐野晶子・岡本俊英・KM Cheng・高橋慎司・中村明・木村正雄. 研究用ウズラ集団間の遺伝的分化. 日本家禽学会誌, 32: 177-183. 1995a.
- 佐野晶子・岡本俊英・杉浦正明・木村正雄. 家禽ウズラと野生ウズラの遺伝的分化の程度. 東海畜産学会報, 6: 22-25. 1995b.
- 佐野晶子・岡本 悟・高橋慎司・中村 明・杉浦正明・木村正雄. 各種選抜に伴うウズラ集団の遺伝的変異性. 東海畜産学会報, 7: 75-77. 1996.
- Sano A, H Zheng, M Kimura, H Chang and K Nozawa. Genetic variability in commercial quail populations in Shaanxi, China. In Studies on Animal Genetic Resources in China. Edited by Chang H. Shaanxi People's Education Press China 1997.
- Sano A and M Kimura. Inbreeding coefficient and genetic differentiation of Japanese quail populations. Proceedings of VI Asian Pacific Poultry Congress, 240-241. 1998.
- 佐野晶子・鄭恵玲・木村正雄・常 洪・野澤 謙. 中国西陝省のコマーシャル・ウズラ集団の遺伝的変異性. 在来家畜研究会報告. 19: 75-86. 2001.
- 島田清司. 種卵で雌雄を見分けることができるか: 日本の伝統的雌雄鑑別から近代技術まで. 日本家禽学会誌, 39: J172-J176. 2002.
- 新城明久・水間 豊・西田周作. 日本ウズラにおける近交退化に関する研究. 日本家禽学会誌, 8: 231-237. 1971.
- 白井祥平. 世界鳥類名検索事典・学名篇. 第1版. 110頁. 原書房. 東京. 1992.
- 正田陽一. 動物大百科第10巻 家畜. 第1版. 115-116頁. 平凡社. 東京. 1987.
- Suda Y, K Imakawa and S Okamoto. Long term selection for small body weight in Japanese quail I: Direct selection response from 60 to 65th generations. Journal of Poultry Science, 39: 274-284. 2002.
- Suda Y and S Okamoto. Long term selection for small body weight in Japanese quail II: Changes in reproductive traits from 60 to 65th generations. Journal of Poultry Science, 40: 30-38. 2003.
- 高橋慎司・伊藤勇三・高橋 弘. 二酸化窒素急性暴露に対するウズラの感受性試験. 国立公害研究所研究報告第124号. 「環境科学研究用に開発したニホンウズラの遺伝学的及び微生物学的特性」35-50. 1989.
- 田名部雄一. 家畜化とそれに伴う変化(1). 畜産の研究. 47: 83-88. 1993a.
- 田名部雄一. 家畜化とそれに伴う変化(2). 畜産の研究. 47: 277-280. 1993b.
- 内田清之介・清棲幸保. うづらノ習性ニ関スル調査成績. 第2編. 鳥類標識法ニ依ルウズラノ習性ニ関スル調査成績. 鳥獣調査報告, 10: 69. 1942.
- 吉井 正. コンサイス鳥名事典. 第1版. 三省堂. 東京. 1988.
- Wang HY, H Chang, W Xu, GB Chang, SX Lu, L Du, W Sun, M Xu and QH Wang. Preliminary study on the level of evolutionary differentiation between domestic quails and wild Japanese quails. Asian-Australasian Journal of Animal Sciences, 16: 266-268. 2003.
- Wright S. The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. Evolution, 19: 395-420. 1965.

Potentialities of Japanese Quail *Coturnix japonica* as a Genetic Resource

Akiko Sano

Animal Genetic Engineering Laboratory, National Institute of Agrobiological Sciences,
Tsukuba, Ibaraki 305-8602, Japan

In this study, Japanese quail (*Coturnix japonica*) were classified into two categories, i.e., wild and domestic. Gene frequencies in each population, degree of genetic variability within populations, and genetic differentiation between populations were investigated. An attempt was made to find changes and improvements in genetic constitution in various stages of domestication by comparing the results of wild and domestic quail populations. The positive average inbreeding coefficient values (F_{IS}) of Wright (1965) were obtained for all wild quail populations. Conversely, negative F_{IS} values were obtained for most of the domestic quail populations. This may have been due to the blending of strains in populations that occurred in the course of improvement of the domestic quail. Hence, the results demonstrated that the level of genetic variability of the domestic quail populations was higher than that of the wild ones. The degree of genetic differentiation among the domestic quail populations was higher than that among the wild populations. Although the degree of differentiation was very small, the quail populations could be separated into the following two clusters : domestic and wild in the dendrograms illustrated by genetic distance of Nei (1975). These results suggest that, in the case of quail, domestication has not caused any drastic change in gene pools because the history of domestication is not long.

Japanese quail populations still have great susceptibility to a number of deleterious genetic effects, such as inbreeding depression. When the problems of inbreeding depression are settled and quail breeds are established, the industry will make rapid progress. Domestic quails will also be improved as an experimental animal. Japanese quail are competent as a material to elucidate the mechanism of inbreeding depression. They are also competent as a pilot animal for preservation and proliferation of endangered bird populations, and an indicator animal for environmental monitoring.

(*Japanese Poultry Science*, 40 : J221-J234, 2003)

Key words : Japanese quail, wild quail population, domestic quail population, genetic variability